

Bíborbaktérium-közösség összetételének megismerése újgenerációs DNS-szekvenálási és tenyésztési technikák kombinálásával

Korponai Kristóf¹, Somogyi Boglárka², Szabó Attila¹, Boros Emil², Vörös Lajos², Felföldi Tamás¹

¹ELTE Mikrobiológiai Tanszék, 1117 Budapest, Pázmány Péter sétány 1/c. (tamas.felfoldi@gmail.com)

²MTA Ökológiai Kutatóközpont, Balatoni Limnológiai Intézet, 8237 Tihany, Klebelsberg Kuno út 3.

Kivonat: Egy Fülöpszállás határában található sekély szikes víztesten 2014 áprilisában látványos, kettős tömegprodukció volt megfigyelhető: a felső három cm-es vízrétegben található planktonikus zöldalgák (*Oocystis submarina*) tömege alatt jól elkülönülő réteget alkottak az ostorral rendelkező, pálcika alakú, fototaxist mutató bíborbaktériumok, amelyek azonosítását nagyfelbontású molekuláris módszerrel és tenyésztéssel is megkíséreltük. Az egyetlen vízmintából kivont közösségi DNS újgenerációs szekvenálással (Roche GS Junior platform) végzett elemzése során 3131 szekvenciát kaptunk, amelyeknek több, mint felét az *Ectothiorhodospira* és a *Rhodobaca* nemzetségek alkották. A domináns csoportok közül többet sikerült tenyésztésbe is vonnunk. A vízmintából háromfajta táptalajon végeztünk aerob és anaerob tenyésztést, amihez két saját fejlesztésű táptalajt is felhasználunk. Aerob tenyésztés során $1,7\text{--}35 \times 10^6$ TKE/mL közötti baktérium csíraszámot kaptunk 19 nap inkubáció után, míg anaerob körülmények között nagyon különböző értékeket mértünk a különböző táptalajokon. Az izolált törzsek kb. fele pirosas színű volt, néhányuk irizálást is mutatott. A törzsek között a Proteobacteria és a Bacteroidetes phylumok tagjai domináltak, és a *Halomonas*, *Pseudomonas*, *Nitrincola*, *Vibrio*, *Alkalimonas*, *Porphyrobacter*, *Loktanella*, *Paracoccus*, *Roseicetium*, *Roseinatronobacter*, *Rhodobaca*, *Belliella* és *Aquiflexum* nemzetségekkel mutattak rokonságot. Több, a tudományra nézve új fajt izoláltunk, amelyek leírását a közeljövőben fogjuk elvégezni.

Kulcsszavak: szikes tó, bíborbaktérium, tömegprodukció, tenyésztés, újgenerációs DNS-szekvenálás.

Bevezetés

A szikes tavak a Kárpát-medence jellegzetes felszíni formái. Csak nagyon kevés hozzájuk hasonló kemizmusú vízteret találunk Földünkön (Boros és mtsai., 2014). Ezekre a sekély, kis fotikus zónával rendelkező, nyaranta gyakran kiszáradó tavakra jellemző a lúgos pH (9–11), a nagy napi hőingás és a relatíve magas szikso-tartalom is. Ezen tulajdonságok olyan erős szelekciós hatással bírnak az élőlényekre nézve, hogy a tavak életközösségét néhány kivételtől eltekintve egysejtű szervezetekre korlátozza (Sorokin és mtsai., 2004). A hazai szikesekben élő planktonikus közösség összetételére jellegzetes szezonális változások jellemzőek, amelyeknek gyakorta része a téli zöldalgavirágzás (Somogyi és mtsai., 2009; Pálffy és mtsai., 2014), amelyet a kárpát-medencei szikeseken kívül eddig csak Belső-Ázsiában írtak le (Fanjing és mtsai., 2009). Szintén érdekes jelenség a tavasszal-nyáron nagy mértékben elszaporodó zöldalgákkal vagy pikocianobaktériumokkal együtt megjelenő bíborszínű baktériumok szemmel is jól látható tömege a felszíni zöld réteg alatt (Borsodi és mtsai., 2013). Utóbbi jelenség sós vízi környezetből régóta ismert (Ollivier és mtsai., 1994; Sorokin és mtsai., 2004).

Kutatásunk célja egy Fülöpszállás határában található szikes tóban megfigyelt bíborbaktérium tömegprodukció összetételének feltárása volt.

Anyag és módszer

A mintavétel 2014. április 23-án történt. A kisméretű, névtelen tó a Kelemen-szék közelében található a Kiskunsági Nemzeti Park területén (É. sz. $46^{\circ}45,818'$, K. h. $19^{\circ}10,828'$). Az alapvető vízkémiai paramétereket a helyszínen mértük (WTW MultiLine P 8211 multiméterrel), míg az a-klorofill (Wellburn, 1994) és a-bakterioklorofill koncentrációjának meghatározása (Castenholz, 1973; Biel, 1986) laboratóriumi körülmények között történt. A zöld vízoszlop és az üledék közvetlen közelében megfigyelt bíbor színű réteg elemzését külön végeztük, a baktériumközösség összetételének meghatározását csak ez utóbbi rétegből végeztük el.

A közösségi DNS-t 500 mL vízmintából vontuk ki UltraClean® Soil DNA Isolation Kit (MoBio) segítségével. A molekuláris vizsgálatokhoz a bakteriális riboszóma kis alegységében található 16S RNS-t kódoló gént (a

16S rDNS-t) használtuk fel a taxonok azonosításához. A piroszekvenáláshoz a 16S rDNS-t polimeráz láncreakció (PCR) segítségével, B341F és B785R primerekkel (Klin-dworth és mtsai., 2013) szaporítottuk fel, a PCR terméket High Pure PCR Cleanup Micro Kit-tel (Roche) tisztítottuk meg. A minőségi ellenőrzést és a DNS koncentrációjának mérését Model 2100 Bioanalyzer (Agilent) készülékkel végeztük. A DNS-szekvenálás GS Junior (Roche) platformon történt a gyártó utasításai szerint. Ezt követően a kapott szekvenciákat mothur v1.33 szoftver (Schloss és mtsai., 2009) segítségével elemeztük. A PCR amplifikáció és a szekvenáló reakció során keletkezett műtermékeket (homopolimerek, kimérák) és az egyszerű előforduló (singleton) szekvenciákat a bioinformatikai elemzés során kiszűrtük. Az így nyert jó minőségű adatahalmazt a SINA szoftver (Pruesse és mtsai., 2012) segítségével illesztettük, a taxonómiai azonosítást az ARB-SILVA referencia adatbázis (letöltés ideje: 2014.10.07.; Quast és mtsai., 2013) használatával történt.

A tenyésztési vizsgálatokhoz háromféle táptalajt használtunk. Szilárdítóanyag szerint elkülöníthetjük az agar-alapú R2A-t (DSMZ médium 830; pH 10), a gellángumi-alapú saját fejlesztésű 'C'-től (1 L szikes víz, 16 g gellángumi, 0,6 g $\text{MgSO}_4 \times 7\text{H}_2\text{O}$ és 0,3 g $\text{CaCl}_2 \times 2\text{H}_2\text{O}$) és 'S'-től (1 L desztillált víz, 16 g gellángumi, 1 g élesztőkivonat, 0,6 g $\text{MgSO}_4 \times 7\text{H}_2\text{O}$, 0,3 g $\text{CaCl}_2 \times 2\text{H}_2\text{O}$ és 10 g NaHCO_3 ; pH 10). A vízmintából készített hét tagú hígítási sor tagjait erre a háromféle táptalajra szélesztettük, majd aerob és anaerob módon inkubáltuk szobahőmérsékleten, szórt fényel megvilágított helyiségben. Az anaerob tenyésztés anaerob zacskóban gázfejlesztő tasak felhasználásával történt (Microbiology Anaerocult® A mini, Merck). A tisztított törzsekből G-spin™ Total DNA Extraction Kit (iNtRON Biotechnology) segítségével vontuk ki a DNS-t, amelyből 27F (Lane, 1991) és 1492R (Polz és Cavanaugh, 1998) primerek segítségével PCR-rel szaporítottuk fel a 16S rDNS-t. A termékek ellenőrzését 20 perces elektroforézissel végeztük 100 V-on 1%-os agaróz gélben. A PCR termékek tisztítását, a szekvenáló reakciót és a kapilláris elektroforézist az LGC Genomics végezte (Berlin, Németország), a Sanger-féle bázissorrend-meghatározás ABI 3730XL platformon (Applied Biosystems) történt. A kromatogra-

mokon Chromas Lite 2.1.1 szoftverrel (Technelysium) végeztük a hibásan értelmezett bázisok manuális korrekcióját és a primer-szekvenciák eltávolítását. A szekvenciákat EzTaxon (Kim és mtsai., 2012) adatbázis segítségével valid fajok típusörzseivel hasonlítottuk össze a törzsek azonosításának érdekében.

Eredmények és értékelésük

A mintavétel idejében a vízmélység 5 cm, a pH 10,2, a vezetőképesség 15,5 mS/cm volt. A vízoszlopban az a-klorofill koncentrációja 10,6 mg/L, míg az üledékfelszíni piros rétegben az a-bakterioklorofill koncentrációja 7,8 mg/L volt. Mikroszkópos vizsgálatokkal megállapítottuk, hogy a víz felszínén megfigyelhető zöldalga-virágzást ugyanaz az *Oocystis submarina* okozta, amelynek egy másik kiskunsági szikes tóban, a Böddi-székben 2009-ben megfigyelt tömegprodukciója alatt az itt megfigyelthez hasonló bíbor színű réteg alakult ki (Borsodi és mtsai., 2013).

Tenyésztéses eljárással meghatároztuk a heterotróf baktériumok csíraszámát. Aerob körülmények között 19 nap inkubáció után $1,7 \times 10^6$ - $3,5 \times 10^7$ TKE (telepképző egység)/mL értékeket kaptunk; az intervallum alsó értékei a 'C' táptalajhoz, míg a felsők az 'S' és az R2A médiumhoz köthetők. Anaerob körülmények között $4,2 \times 10^4$ és $3,6 \times 10^7$ TKE/mL értékeket eredményezett a 19 nap inkubáció a 'C' és 'S' médium esetében, ugyanakkor az R2A táptalajon semmi nem nőtt ki.

A háromféle táptalajról tiszta tenyészet formájában 46 aerob törzset sikerült fenntartani és azonosítani. Az anaerob törzsek azonosítása lassú növekedésük miatt még feldolgozás alatt áll. 16S rDNS szekvencia alapján a törzsek a Proteobacteria (25 db) illetve a Bacteroidetes (21 db) phylumba tartoznak, a legközelebbi tenyésztésbe vont fajok típusörzseivel 92,7-99,9%-os szekvenciabeli egyezést mutattak (1. táblázat).

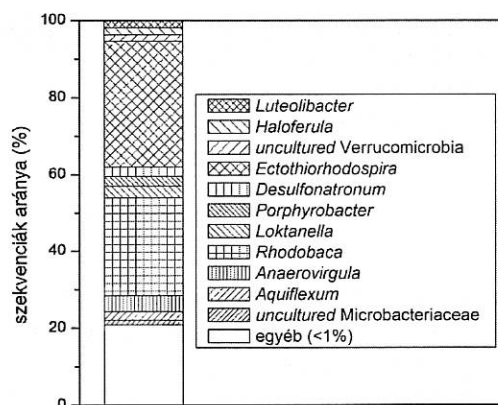
Újgenerációs szekvenálással 3131 szekvenciát nyertünk, amelyek 97 % feletti szekvencia-hasonlóság szerint (Tindall és mtsai., 2010) 143 operatív taxonómiai egységet (OTU-t) alkottak, ami a mintában előforduló baktériumfajok számának feleltethető meg. Feltűnő volt az anaerob bíbor kénbaktérium, az *Ectothiorhodospira* nemzetség 32,6 %-os részaránya (1. ábra), amelyhez összesen 3 OTU tartozott, ami három e nemzetségbe tartozó különböző faj jelenlétét valószínűsíti. Jól látszik még továbbá a tenyésztéses eljárással azonosított nemzetségekkel való nagyarányú egyezés. A törzseink között is megtalálható *Rhodobaca* nemzetséget 795 szekvenciával kettő OTU, míg a *Loktanella* és a *Porphyrobacter*-t 97, illetve 80 szekvenciával egy-egy OTU képviselte, a 71 *Aquiflexum* szekvencia pedig 3 OTU-hoz tartozott. Megjegyzendő, hogy az előbbi három nemzetség tagjai bizonyos körülmények között fotoheterotróf növekedésre is képesek, míg az utóbbi csoport az obligát heterotróf anyagcserét folytatók közé tartozik (Fuerst és mtsai., 1993; Brettar és mtsai., 2004; Van Trappen és mtsai., 2004; Madigan és mtsai., 2010).

A tenyésztéses és tenyésztéstől független vizsgálat eredménye közötti átfedés mértéke meglepő, hiszen sok esetben egy-egy mintából a teljes közösség csupán 0,01-1 %-a vonható tenyésztésbe (Puspita és mtsai., 2012), nekünk viszont sikerült az egyik domináns nemzetséget

(*Rhodobaca*), valamint a gyakoribb csoportok közül többet (*Aquiflexum*, *Loktanella* és *Porphyrobacter*) is kitenyésztenünk, ami az alkalmazott egyedi táptalajok hatékonyságát igazolja. Továbbá mindenképpen megjegyzendő, hogy bár tenyésztettünk *Nitrincola*, *Alkalimonas*, *Pseudomonas* és *Vibrio* nemzetségek alkalikus vizekből leírt fajainak szekvenciáival nagyfokú hasonlóságot mutató baktériumokat, ezeket az újgenerációs szekvenálással nem sikerült kimutatnunk. Ennek oka az lehetett, hogy valószínűleg nagyon kicsi, elhanyagolható mennyiségben lehettek jelen a közösségben. Más szikes tavakból viszont sikerült ezeket a nemzetségeket is az itt alkalmazott újgenerációs DNS-szekvenálási módszerrel kimutatni (Szabó A., Korponai K. és Felföldi T., publikálatlan eredmények).

1. táblázat. A bíbor színű rétegből izolált baktériumtörzsek azonosításának eredménye (legközelebbi rokon fajok típusörzseivel való hasonlóságuk) a 16S rDNS szekvencia elemzése alapján

phylum	classis	genus	törzsek száma (db)	hasonlóság (%)
Proteobacteria	α-proteobacteria	<i>Porphyrobacter</i>	1	99,0 %
		<i>Loktanella</i>	4	99,3-99,7 %
		<i>Roseicetium</i>	1	99,6 %
		<i>Roseinatronobacter</i>	1	97,7 %
		<i>Rhodobaca</i>	2	97,6-97,7 %
		<i>Paracoccus</i>	1	96,1 %
	γ-proteobacteria	<i>Halomonas</i>	3	98,4-98,8 %
		<i>Nitrincola</i>	2	97,3-98,4 %
		<i>Pseudomonas</i>	3	94,7-98,4 %
		<i>Vibrio</i>	3	99,7 %
		<i>Alkalimonas</i>	4	99,9 %
Bacteroidetes	Cytophagia	<i>Belliella</i>	9	93,0-99,8 %
		<i>Aquiflexum</i>	9	93,0-93,7 %
		<i>Fontibacter</i>	2	92,7 %
		<i>Indibacter</i>	1	93,5 %



1. ábra. A bíbor színű réteg bakteriális közösségének összetétele az újgenerációs szekvenálás eredményei alapján (Az ábrán csak az 1%-nál nagyobb arányban jelen lévő nemzetségeket vagy azzal ekvivalens tenyésztésbe nem vont csoportokat ábrázoltuk külön kategóriaként.)

Összefoglalás

Molekuláris biológiai vizsgálatainkkal megállapítottuk, hogy a bíbor színű réteget nem egy baktérium homogén monokultúrája, hanem egy viszonylag komplex baktériumközösség alkotta. A baktériumközösségen belül két pirosas színű nemzetség (az *Ectothiorhodospira* és a *Rhodobaca*) együttesen kiemelkedő, 58%-os részarányt képviselt. A domináns taxonokat jelentős mennyi-

ségben sikerült tenyésztésbe vonnunk, valószínűleg az alkalmazott egyedi táptalajoknak is köszönhetően.

A bíbor színű réteg mikroszkópos vizsgálata során osztorral rendelkező, görbült pálcika alakú, fototaxist mutató pirosas színű baktériumok tömegét láttuk. Irodalmi adatok (Imhoff, 1995; Imhoff, 2006) szerint az obligát anaerob bíbor kénbaktérium, az *Ectothiorhodospira* nemzetség tagjaira a megfigyelt morfológiai tulajdonságok ráillenek.

Köszönetnyilvánítás

A kutatást az OTKA PD 105407 és PD 112449 pályázat támogatta. A kutatás során használt műszerek beszerzését a KM-OP-4.2.1/B-10-2011-0002 és TÁMOP-4.2.2/B-10/1-2010-0030 pályázatok támogatták. Somogyi Boglárka és Felföldi Tamás munkáját a Magyar Tudományos Akadémia Bolyai János kutatói ösztöndíja segítette. A szerzők köszönetüket fejezik ki Németh Baláznak a mintavételbeli, valamint Balogh Lajosné Anikónak technikai segítségéért.

Irodalom

- Biel, A.J. (1986) Control of bacteriochlorophyll accumulation by light in *Rhodobacter capsulatus*. – *J. Bacteriol.* 168: 655–659.
- Brettar, I., Christen, R., Höfle, M.G. (2004) *Aquiflexum balticum* gen. nov., sp. nov., a novel marine bacterium of the *Cytophaga-Flavobacterium-Bacteroides* group isolated from surface water of the central Baltic Sea. – *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 54: 2335–2341.
- Boros, E., Horváth, Zs., Wolfram, G., Vörös, L. (2014) Salinity and ionic composition of the shallow astatic soda pans in the Carpathian Basin. – *Ann. Limnol. – Internat. J. Limnol.* 50: 59–69.
- Borsodi, A.K., Knáb, M., Czeibert, K., Márialigeti, K., Vörös, L., Somogyi, B. (2013) Planktonic bacterial community composition of an extremely shallow soda pond during a phytoplankton bloom revealed by cultivation and molecular cloning. – *Extremophiles* 17: 575–584.
- Castenholz, R.W. (1973) The possible photosynthetic use of sulphide by the filamentous phototrophic bacteria of hot springs. – *Limnol. Oceanogr.* 16: 863–876.
- Fanjing, K., Qinxian, J., Jia, E., Mianping, Z. (2009) Characterization of a eukaryotic picoplankton alga, strain DGN-Z1, isolated from a soda lake in Inner Mongolia, China. – *Natural Res. Environ. Iss.* 15: article 38.
- Fuerst, J.A., Hawkins, J.A., Holmes, A. Sly, L.I., Moore, C.J., Stackebrandt, E. (1993) *Porphyrobacter neustonensis* gen. nov., sp. nov., an aerobic bacteriochlorophyll-synthesizing budding bacterium from fresh water. – *Int. J. Syst. Bacteriol.* 43: 125–134.
- Imhoff, J.F. (1995) Taxonomy and Physiology of Phototrophic Purple Bacteria and Green Sulfur Bacteria. In *Anoxygenic Photosynthetic Bacteria*. Kluwer Academic Publishers. pp. 1–15.
- Imhoff, J.F. (2006) The family Ectothiorhodospiraceae. In *The Prokaryotes*. Springer. pp. 874–886.
- Klindworth, A., Pruesse, E., Schweer, T., Peplies, J., Quast, C., Horn, M., Glöckner, F.O. (2013) Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. – *Nucleic Acids Res.* 41: e1.
- Kim, O.S., Cho, Y.J., Lee, K., Yoon, S.H., Kim, M., Na, H., Park, S. C., Jeon, Y.S., Lee J.H., Yi, H., Won, S., Chun, J. (2012) Introducing EzTaxon-e: a prokaryotic 16S rRNA gene sequence database with phylogenies that represent uncultured species. – *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 62: 716–721.
- Lane, D.J. (1991) 16S/23S rRNA sequencing. In *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*. Wiley. pp. 125–175.
- Madigan, M.T., Martinko, J.M., Stahl, D., Clark, D.P. (2010) Brock Biology of Microorganisms (13th Ed). Pearson, San Francisco.
- Ollivier, B., Caumette, P., Garcia, J.L., Mah, R.A. (1994) Anaerobic bacteria from hypersaline environments. – *Microbiol. Rev.* 58: 27–38.
- Pálffy, K., Felföldi, T., Mentés, A., Horváth, H., Márialigeti, K., Boros, E., Vörös, L., Somogyi, B. (2014) Unique picoeukaryotic algal community under multiple environmental stress conditions in a shallow, alkaline pan. – *Extremophiles* 18: 111–119.
- Polz, M.F., Cavanaugh, C.M. (1998) Bias in template-to-product ratios in multitemplate PCR. – *Appl. Environ. Microbiol.* 64: 3724–3730.
- Pruesse, E., Peplies, J., Glöckner, F.O. (2012) SINA: accurate high-throughput multiple sequence alignment of ribosomal RNA genes. – *Bioinformatics* 28: 1823–1829.
- Puspita, I.D., Kamagata, Y., Tanaka, M., Asano, K., Nakatsu, C.H. (2012) Are Uncultivated Bacteria Really Uncultivable? – *Microbes Environ.* 27: 356–366.
- Quast, C., Pruesse, E., Yilmaz, P., Gerken, J., Schweer, T., Yarza, P., Peplies, G., Glöckner, F. O. (2013) The SILVA ribosomal RNA gene database project: improved data processing and web-based tools. – *Nucleic Acids Res.* 41: D590–D596.
- Schloss, P.D., Westcott, S.L., Ryabin, T., Hall, J.R., Hartmann, M., Hollister, E.B., Lesniewski, R.A., Oakley, B.B., Parks, D.H., Robinson, C.J., Sahl, J.W., Stres, B., Thallinger, G.G., Van Horn, D.J., Weber, C.F. (2009) Introducing mothur: open-source, platform-independent, community-supported software for describing and comparing microbial communities. – *Appl. Environ. Microbiol.* 75: 7537–7541.
- Somogyi, B., Felföldi, T., Vanyovszki, J., Ágyi, Á., Márialigeti, K., Vörös, L. (2009) Winter bloom of picoeukaryotes in Hungarian shallow turbid soda pans and the role of light and temperature. – *Aquat. Ecol.* 43: 735–744.
- Sorokin, D.Y., Gorlenko, V.M., Namsaraev, B.B., Namsaraev, Z.B., Lysenko, A.M., Eshinimaev, B.T., Khmelenina, V.N., Trotsenko, Y.A., Kuenen, J.G. (2004) Prokaryotic communities of the north-eastern Mongolian soda lakes. – *Hydrobiologia* 522: 235–248.
- Tindall, B. J., Rosselló-Móra, R., Busse, H.-J., Ludwig, W., Kämpfer, P. (2010) Notes on the characterization of prokaryote strains for taxonomic purposes. – *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 60: 249–266.
- Van Trappen, S., Mergaert, J., Swings, J. (2004) *Loktanella salsilacus* gen. nov., sp. nov., *Loktanella fryxellensis* sp. nov. and *Loktanella vestfoldensis* sp. nov., new members of the *Rhodobacter* group, isolated from microbial mats in Antarctic lakes. – *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 54: 1263–1269.
- Wellburn, A.R. (1994) The spectral determination of chlorophylls a and b, as well as total carotenoids, using various solvents with spectrophotometers of different resolution. – *J. Plant. Physiol.* 144: 307–313.

Determination of purple bacterium community composition combining next-generation DNA sequencing and cultivation techniques

Korponai, K., Somogyi, B., Szabó, A., Boros, E., Vörös, L. and Felföldi, T.

Abstract: In April 2014 a spectacular, dual bloom occurred in a shallow alkaline soda pan near the village Fülöpszállás (Danube-Tisza Interfluve, Hungary). The upper three cm water layer was inhabited by a dense population of the planktonic green alga, *Oocystis submarina*; and under that, there was a separate purple layer formed by rod-shaped purple bacteria with flagella and showing phototaxis. Identification of these bacteria was carried out using cultivation and high-throughput DNA-sequencing methods. As a result of next-generation sequencing (Roche GS Junior platform) 3131 sequences were obtained, of which more than half were identified as members of the genera *Ectothiorhodospira* and *Rhodobaca*. Members from many dominant groups were successfully cultivated. Three different solid media were used during aerobic and anaerobic cultivation, two of them were designed particularly for this work. During aerobic cultivation, $1.7\text{--}35 \times 10^6$ CFU/mL plate counts were obtained after 19 days of incubation, while under anaerobic conditions highly dissimilar values were recorded on different culture media. Half of the isolated bacterial strains had reddish coloration, a few of them showed iridation. Among the bacterial strains, members of phyla Proteobacteria and Bacteroidetes dominated, and the strains showed the highest similarity with the genera *Halomonas*, *Pseudomonas*, *Nitriticola*, *Vibrio*, *Alkalimonas*, *Porphyrobacter*, *Loktanella*, *Paracoccus*, *Roseicetium*, *Roseinatronobacter*, *Rhodobaca*, *Belliella* and *Aquiflexum*. Several strains represent potentially new species, their taxonomic description will be carried out in the near future.

Keywords: soda pan, purple bacteria, bloom, cultivation, next-generation DNA sequencing.